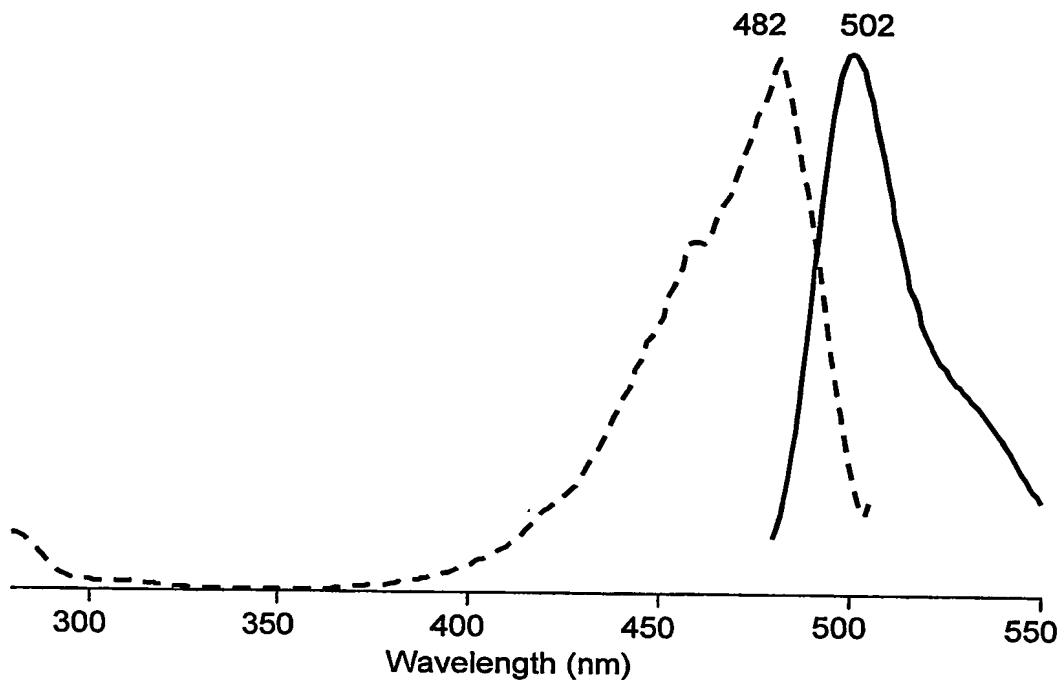
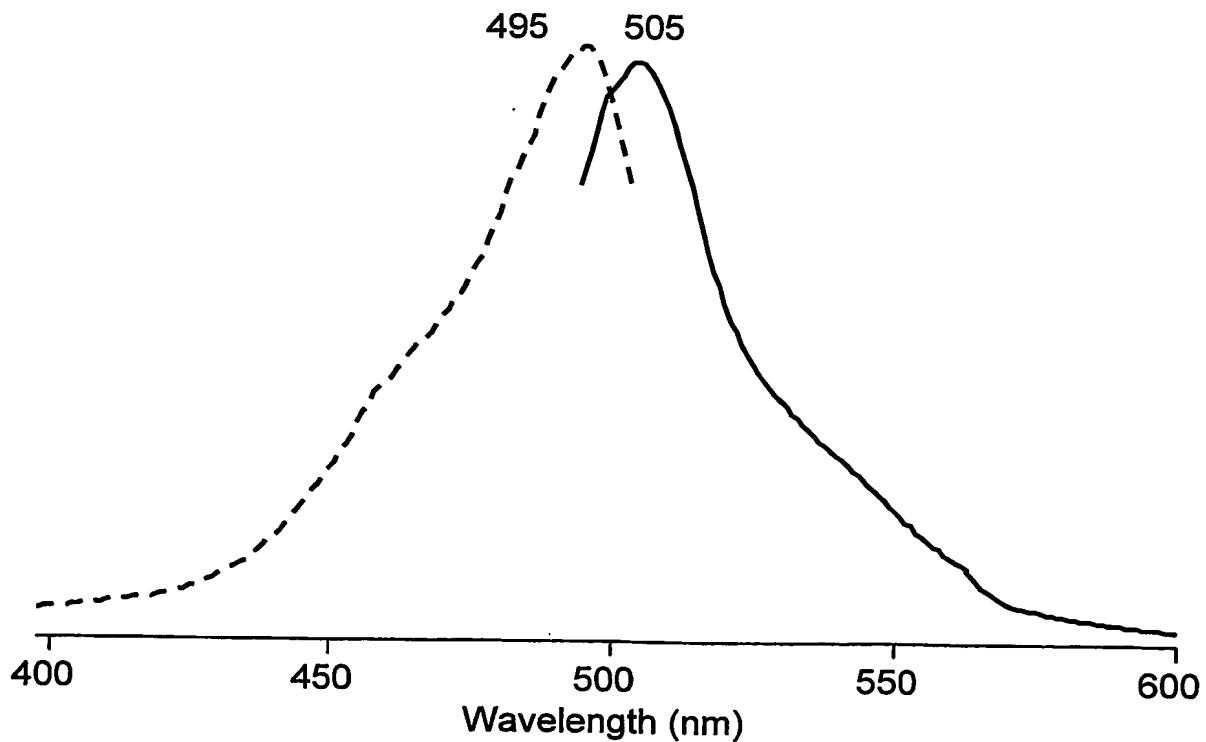


	10	20	30	40	50	
GFP	MSKGEELFTGVVPILVELDGDVNGHKFSVSGEGEGDATYGKLTLKFICTTGKLPVP..WPT					
DsRed	MRSSSKNVIKEFMRFKVRMEGTVNNGHEFEIEGEGEGRPYEGHNTVKLKVTKGG..PLPFAWDI					
ppluGFP1	MPAMKIECRISGTLNGVVFELVGGGEGIPEQGRMTNKMSTKGA..LTFSPYL					
ppluGFP2	-----T-----E-----T-----					
laesGFP	--V-----M--EE-----A-D-NTDE-----P-S-----					
pmeaGFP1	--D--L--H--M--EE-----I-A-D-NTDE-----I--..PIS-----					
pmeaGFP2	--D--L--H--M--EE-----I-S-D-NTD-----N--I--..P-S-----					
pmedGFP1	--N--L-----M--EE-----A--NTDE-----P-S-----					
pmedGFP2	--H--L-----M--EE-----A-D-NTDE-----Q-----P-S-----					
pdae1GFP	--A-----T--M--E-----NTD-----P-S-----					
	60	70	80	90	100	110
GFP	LVTTFSYGVQCFSRYPDHMKQHDFFKSAMPEGYVQERTIFFKDDGNYKTRAEVKFEGDT					
DsRed	LSPQFQYGSKVYVHPADIP..DYKKLSFPEGFKWERVMNFEDGGVVTVTQDSSLQDGC					
ppluGFP1	LSHVMGYGFYHFGTYPGSEN..PFLHAANNGGYTNTRIEKYEDGGVLHVSFSYRYEAGR					
ppluGFP2	-----I-----					
laesGFP	--I-----YA-F-A-----VY-----K-----T-R-----IIS-N-T---GNK					
pmeaGFP1	--IL---Y---A-F-A-----IY-----MK-----S-V-T-R-----IISIT-N---GNK					
pmeaGFP2	--IL---Y---A-F-A-----IY-----MK-----S-V-T-R-----IISIT-N---GSK					
pmedGFP1	--L---Y---YA-F-A-----VY-----MK-----S---T-R-----IISAT-N---GRQ					
pmedGFP2	--L---Y---YA-F-A-----VY-----MK-----S---T-R-D---IISAT-N---GRQ					
pdae1GFP	-----F-----YV-MT-----S-----YLT-N--LDGNK					
	120	130	140	150	160	170
GFP	LVNRIELKGIDFKEDGNILGHKLEYNNNSHNVYIMADKQKNGIKVNFKIRHNIEDGSVQL					
DsRed	FIYKVFIGVNFPSDGPVMQ..KKTMGWEASTERLYP..RDGVLKGEIHKALKLKDGGHYL					
ppluGFP1	VIGDFKVVGTFGPEDS..VIFTDKIIRSNATVEHLHP..MGDNVLVGSFARTFSLRDGGYYS					
ppluGFP2	-----.					
laesGFP	--S-----AN-----K--P-C--IY--.K--I--NAYT--WM-----					
pmeaGFP1	I-----TN--L-----K--P-C-NMF--.KA--T--NAYT--YL-K-----					
pmeaGFP2	I-----I-----T--L-----K--P-C-NMF--.KA--I--NAYT--YL-K-----					
pmedGFP1	IH-----A--.X-----K--P-C--IY--.KAN-I--NAYT--WM-----					
pmedGFP2	IH-----A--.I-----K--P-C--IY--.KAD-I--NAYT--WM-----					
pdae1GFP	I-----C-----K--PNC--FY--.AE--IMKNAYM--L-----					
	180	190	200	210	220	230
GFP	ADHYQONTPIGDG..PVLLPDNHYLSTQSALKSNDPNEKRDHMVLLFVTAAGITHGMDELYK					
DsRed	VEFKSIYMAKK..PVQLPGYYYVDSKLDITSHNEDYT..IVEQYERTEGRHHLFL					
ppluGFP1	FVVDSHMHFKSAIHPSILQNGGSMFAFRRVEELHSNT..ELGIVEYQHAKTPATAFA					
ppluGFP2	-----P-----.					
laesGFP	AQ-NN-L---T-M--TM-----TY-K-----QS..DV-----V-----					
pmeaGFP1	AQ-NN-----TTM-----TY-V-----T-TQN..VA-----NV-----					
pmeaGFP2	AQ-NN-----TM-----TH-V-----N-TK--..NVA-----NV-----					
pmedGFP1	AQ-NN--LQ-----TM-K-----TY-K-----TQ--..V-----V-R-----					
pmedGFP2	AQ-NN--FK-----TM-----TY-K-----TQ--..V-----V-R-----					
pdae1GFP	GQ-T--I---N-----H-----TY-----TQ--..D-----V-----					

FIG. 1

2/5

**FIG. 2****FIG. 3**

3/5

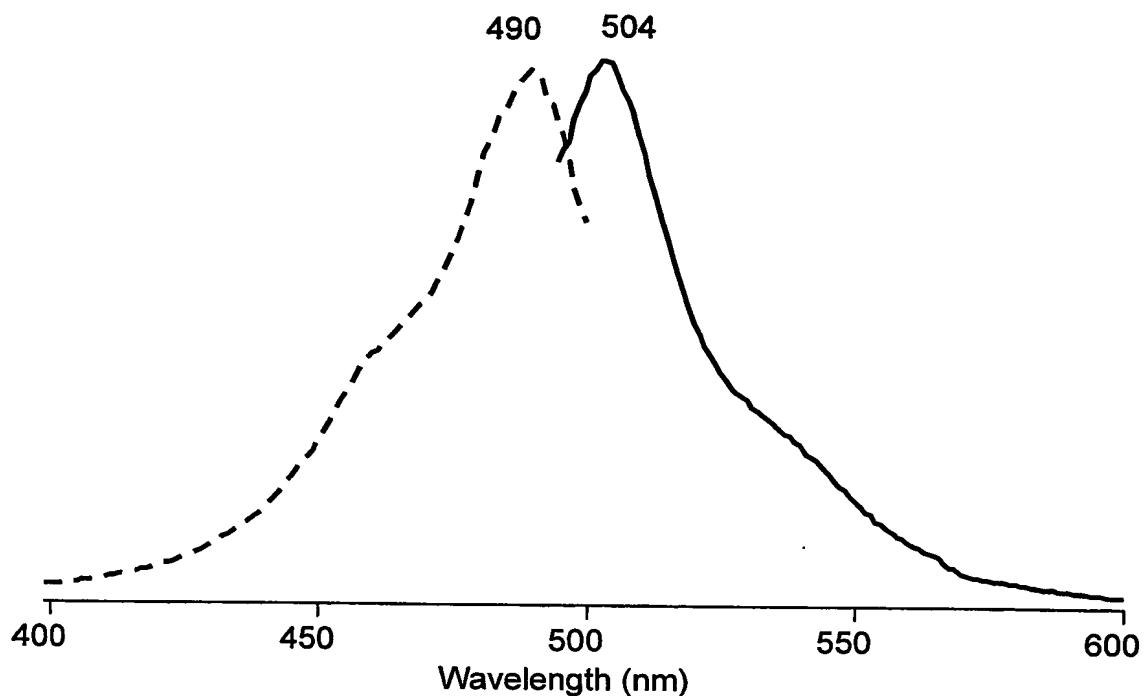


FIG. 4

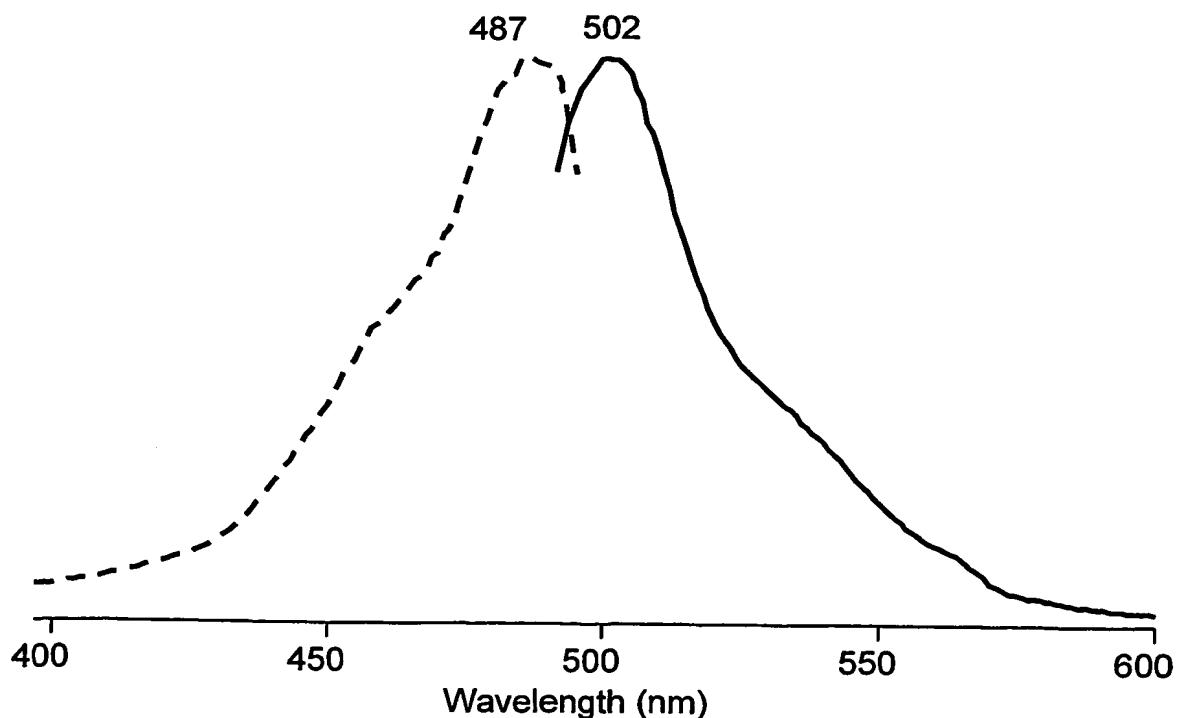
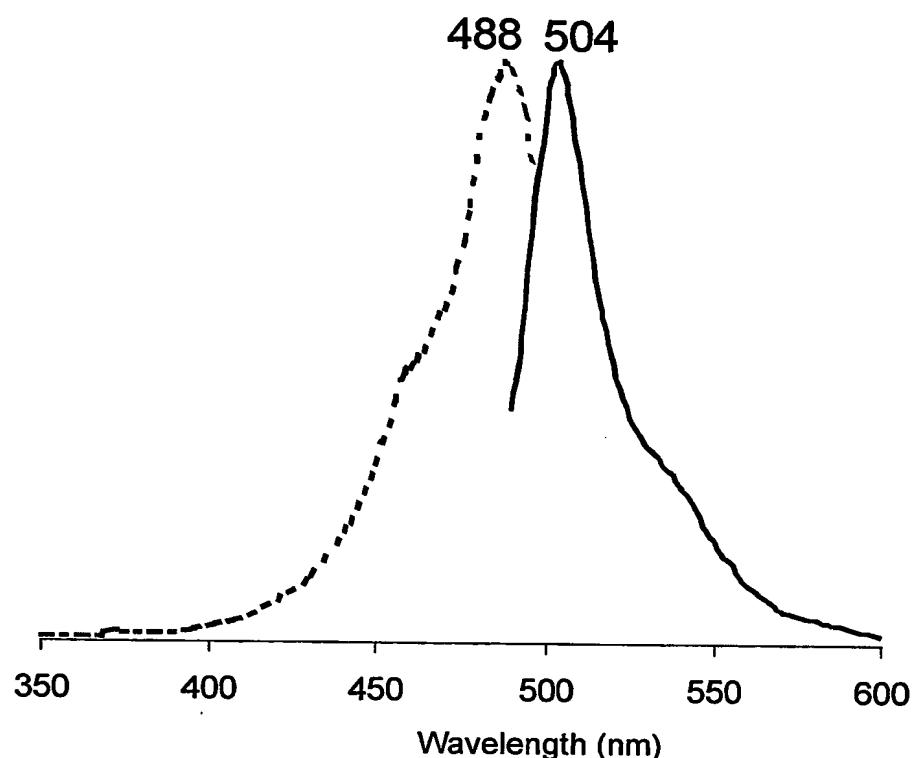
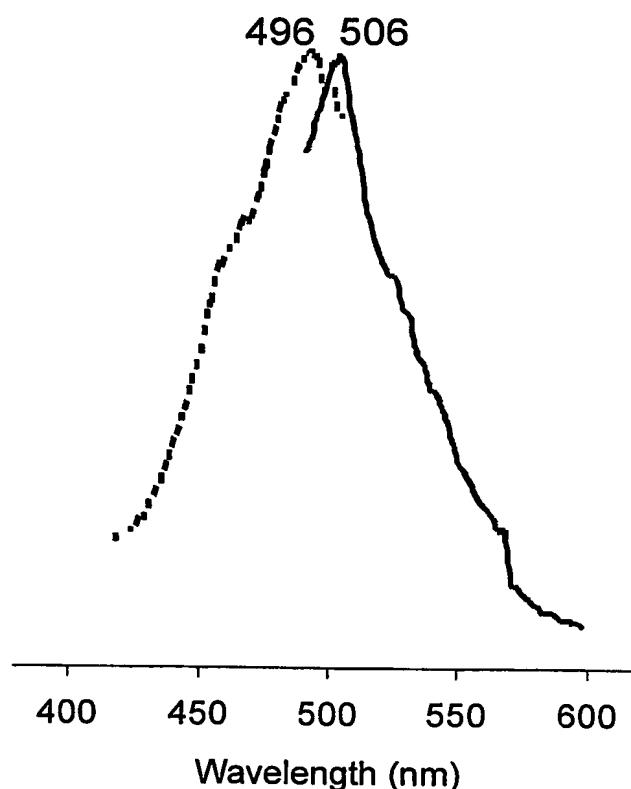


FIG. 5

4/5

**FIG. 6****FIG. 7**

5/5

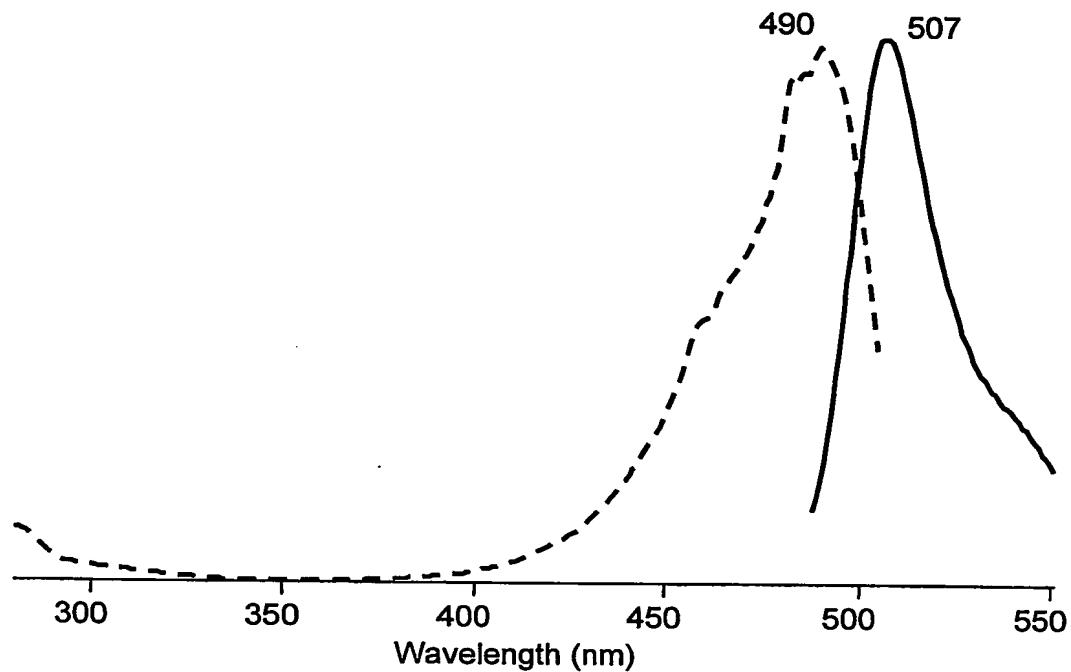


FIG. 8

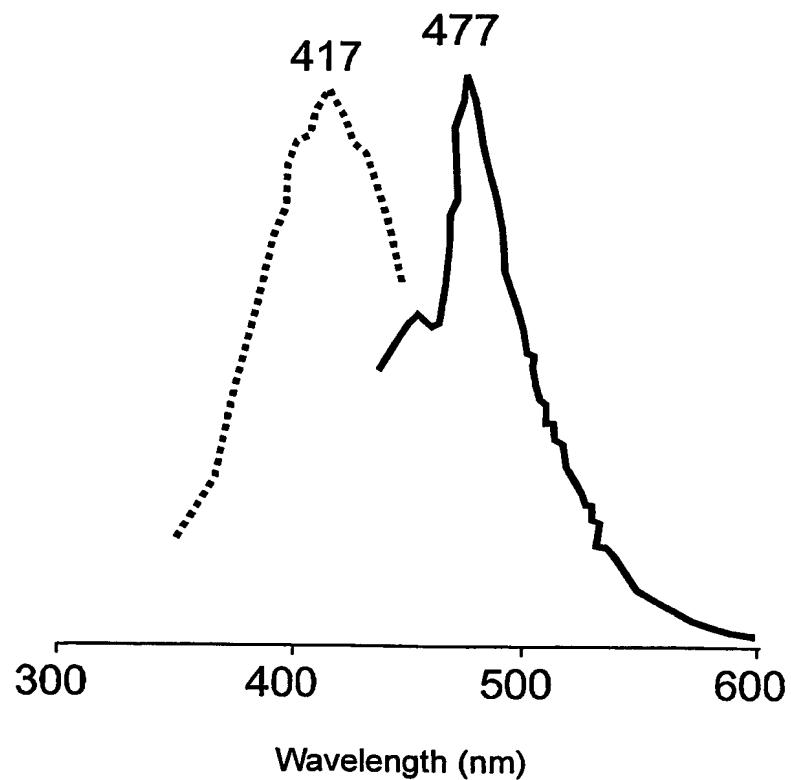


FIG. 9